云　南　植　物　研　究　2007, 29 (5): 529～536
Acta Botanica Yunnanica

# 中国木棉居群的遗传多样性*

汪书丽[1,2]，李巧明[1**]
(1 中国科学院西双版纳热带植物园植物系统与保护生物学实验室, 云南 昆明　650223;
2 中国科学院研究生院, 北京　100049)

**摘要**: 采用 ISSR 分子标记技术研究了干热河谷地区 (云南的元江、元谋、巧家、保山 4 个居群)、干热地区 (广西、海南 2 个居群) 和湿热地区 (西双版纳 1 个居群) 木棉 (*Bombax malabaricum*) 居群的遗传多样性。用筛选出的 10 条引物, 对 110 个个体进行了扩增, 共检测到 142 个位点, 多态位点百分率 $PPB$ = 90.14%, Nei's 基因多样性指数 $H$ = 0.2530, Shannon's 信息指数 $I$ 为 0.3864; 居群间的遗传分化系数 $G_{ST}$ = 0.1870, 用 AMOVA 分析得出的 $\Phi_{st}$ = 0.177; 研究结果表明木棉具有较高水平的遗传多样性, 而居群间的遗传分化较低。我们推断木棉丰富的遗传多样性和有效的基因流是其较好适应性的重要因素。此外, 我们建议在干热河谷地区对木棉进行引种时, 要在居群内大量取样, 并尽可能对不同居群进行取样。

**关键词**: 木棉; 干热河谷; ISSR; 遗传多样性; 遗传分化
**中图分类号**: Q 16　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 0253-2700 (2007) 05-529-08

# Population Genetic Diversity of *Bombax malabaricum* (Bombacaceae) in China

WANG Shu-Li[1,2], LI Qiao-Ming[1**]
(1 *Laboratory of Plant Phylogenetics and Conservation Biology*, *Xishuangbanna Tropical Botanical Garden*, *Chinese Academy of Sciences*, Kunming 650223, China;
2 *Graduate School of the Chinese Academy of Sciences*, Beijing 100049, China)

**Abstract:** In order to discuss the level of genetic diversity of *Bombax malabaricum*, we surveyed the genetic diversity of 4 populations (YJ, YM, QJ, DJ) from dry-hot valleys of Yunnan province, 2 populations (GX, HN) from dry-hot regions and 1 population (BN) from wet-hot region of Yunnan using ISSR molecular markers. Based on 10 selected primers, 142 clear and reproducible DNA fragments were generated. The percentage of polymorphic loci $PPB$ was 90.14%, Nei's (1973) gene diversity $H$ was 0.2530 and Shannon's Information index $I$ was 0.3864. The coefficient of genetic differentiation ($G_{ST}$) was 0.1870 and the $\Phi_{st}$ was 0.177 estimated by AMOVA. The results showed high level of genetic diversity within population and low level of genetic differentiation among populations. We inferred that the high level of genetic diversity and effective gene flow of *B. malabaricum* may play an important role in its better adaptability. Considering the introduction of *B. malabaricum* in dry-hot regions, we suggest to sample abundantly within populations and involve different populations.

**Key words:** *Bombax malabaricum*; Dry-hot valleys; ISSR; Genetic diversity; Genetic differentiation

木棉 (*Bombax malabaricum* DC.) 是典型的热带、南亚热带指示性植物 (李忠超和张小兰, 2003)。

* 基金项目: 中科院方向性项目 (KSCX2-SW-116), 中科院西部之光项目, 云南省基金 (2002C0018Q)
** 通讯作者: Author for correspondence; E-mail: lqm@xtbg.ac.cn
收稿日期: 2007-01-11, 2007-03-23 接受发表
作者简介: 汪书丽 (1983-) 女, 在读硕士研究生, 主要从事保护遗传学研究。

广泛分布于印度、斯里兰卡、中南半岛、马来西亚等地区。在我国主要分布于云南、贵州、广西、广东等省区（冯国楣，1984）。木棉有广泛的工业、药用、食用、观赏价值，它全身都是宝，其纤维、木材、花、皮、叶、根、种籽等均可利用，且栽植一次，可连续收获 100～300 年，经济价值非常可观（代正福，1988）。至今对木棉的研究主要集中在植化和药理（齐一萍等，1993；齐一萍和郭舜民，2002）、引种和繁育（李虬和陈惠明，1996）和传粉（Bhattacharya and Mandal，2000）等方面；国内还未有人对其遗传多样性水平进行过研究。

云南干热河谷位于我国西南横断山区及其东部邻近地区，其成因主要是由焚风效应和封闭地形导致的大气局部环流造成的（许再富等，1991）。其气候特点为：热量充足、水分缺乏、干湿分明、气温全年较高、太阳辐射较强（欧晓昆，1994）。当前干热河谷的环境仍在恶化，植被覆盖率降低，水土流失强度及范围增大，人为破坏严重，对其进行生态恢复和建设势在必行（欧晓昆，1994）。

木棉是热带亚热带温湿生境的特征种，其生长区域在温度和降水量上有很大的变化（Chaturvedi and Pandey，2001）。在以干、热为显著特点的干热河谷，木棉也是当地群落的优势种或常见种（金振洲，2002），反映其对环境变化有较强的适应性；另外其经济价值也非常可观。由此我们推断，对木棉进行研究对干热河谷地区的生态恢复建设将有很大的意义。对物种的合理利用和保护应基于其遗传多样性的分布、分化及影响因素（Solbrig，1991），而我们对木棉的遗传多样性知之甚少。

ISSR（Inter Simple Sequence Repeat）是一种简单重复序列之间扩增多态性分子标记，是一种非常理想的检测物种内遗传变异的分子标记（葛颂，2001；Nagaoka and Ogihara，1997）。本研究利用 ISSR 分子标记，从居群水平揭示木棉在居群水平上的遗传多样性和分化水平，以期为干热河谷地区的生态系统恢复提供一定的遗传学资料，为选育适应干热的植物品种提供科学依据。

## 1　材料和方法

### 1.1　实验材料

我们对云南干热河谷地区的木棉进行了随机采样，共采了 4 个居群（巧家居群、元江居群、元谋居群和保山居群），同时对我国干热地区的 2 个居群（海南居群和广西居群）和云南湿热地区的 1 个居群（版纳居群）进行了采样，作为对照。采样均尽量覆盖整个居群，株间距不少于 10 m，各个居群的位置、生境和采样个体数详见表 1 和图 1。所取样品均为新鲜叶片，在野外用硅胶迅速干燥保存。

### 1.2　实验方法

1.2.1　DNA 的提取　DNA 的提取及检测方法同李巧明和赵建立（2007）的方法。

1.2.2　PCR 扩增　PCR 反应在 ABI 9700 PCR 仪上进行。25 μL 反应体系包括：10×Buffer（10 mmol/L Tris-HCl，pH＝8.3；50 mmol/L KCl）2.5 μL，25 mmol/L 的 $MgCl_2$ 2.0 μL，10 mmol/L 的 dNTPs（TaKaRa，宝生物工程大连有限公司）2.0 μL，15 μmol/L 的引物（上海生工生物工程有限公司）1.0 μL，5 U/μL 的 Taq DNA 聚合酶（TaKaRa）0.2 μL，2.5～5 ng/μL 的模板 DNA 2.0 μL，以及 $ddH_2O$ 15.3 μL。扩增程序：94℃ 5 min；94℃ 45 s，退火（温度视不同引物而定，表 2）45 s，72℃ 1.5 min，共 35 个循环；72℃ 7 min。

表 1　木棉居群采样数目及位置

Table 1　Locations of *Bombax malabaricum* populations and the numbers of individuals sampled

| 居群编号 Population code | 分布地 Location | 实验样品数（株）No. of samples for experiment | 海拔 Altitude (m) | 纬度 Latitude | 经度 Longitude |
|---|---|---|---|---|---|
| 巧家 QJ | 云南省巧家县 Qiaojia，Yunnan | 19 | 1400 | 26°54′N | 102°55′E |
| 元谋 YM | 云南省元谋县 Yuanmou，Yunnan | 14 | 1206 | 25°48′N | 101°50′E |
| 元江 YJ | 云南省元江县 Yuanjiang，Yunnan | 16 | 411 | 23°36′N | 102°00′E |
| 保山 DJ | 云南省保山市 Baoshan，Yunnan | 15 | 990 | 25°04′N | 98°50′E |
| 广西 GX | 广西省田林县 Tianlin，Guangxi | 14 | 352 | 24°18′N | 105°57′E |
| 海南 HN | 海南省崖城县 Yacheng，Hainan | 16 | 1429 | 18°40′N | 109°00′E |
| 版纳 BN | 云南省勐腊县 Mengla，Yunnan | 16 | 1000 | 21°58′N | 101°28′E |
| Total | | 110 | | | |

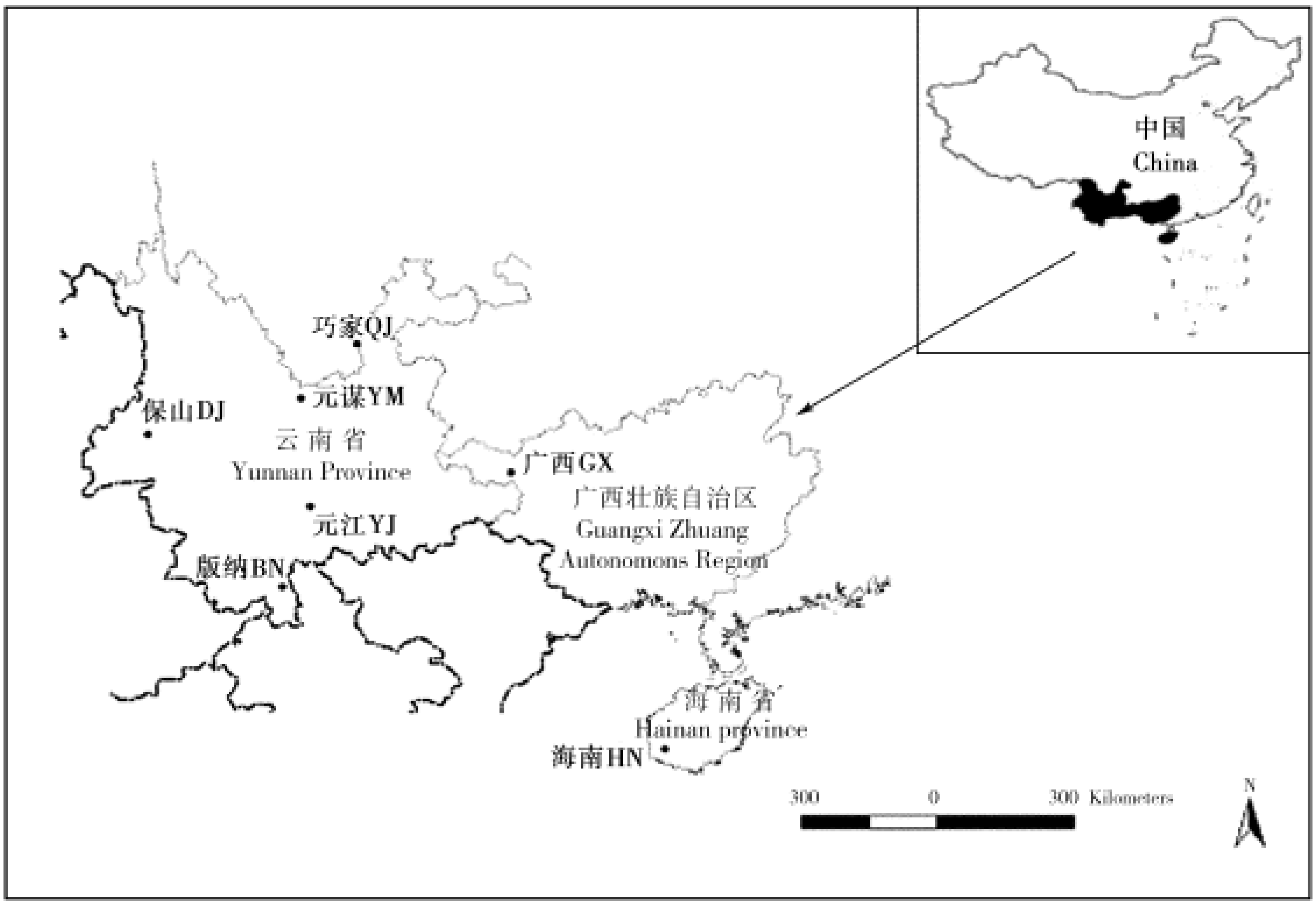


图 1　木棉居群的取样分布图

Fig. 1　Map showing sampled *Bombax malabaricum* populations

产物鉴定：1.5%的琼脂糖凝胶上电泳（0.5×TBE，130 V）分离 3.5 h，以 DNA Marker DL2000（100～2 000 bp）(TaKaRa) 为分子标记，溴化乙锭（EB）染色显带。DNA 片段通过凝胶成像系统（SYNGENE）观察记录。

1.2.3　数据处理与分析　将 ISSR 琼脂糖凝胶电泳图谱记录后进行人工读带，以 DNA Marker DL2000 (100～2 000 bp) 作为相对分子量标准，由同一引物扩增的电泳迁移率一致的条带被认为具有同源性，属于同一位点的产物(杨淑达等，2005)。按同源性条带的有无分别以 1 和 0 的格式记录并输入计算机，构成 ISSR 表型数据矩阵。

假定居群在这些 ISSR 标记位点处于 Hardy-Weinberg 平衡状态，应用 POPGENE 1.32 软件（Yeh 等，1997）进行分析，统计下列参数：多态位点百分率（*PPB*）、Shannon's 信息指数（*I*）、Nei's 基因多样性指数（*H*）、总的基因多样度（$H_t$）和居群内的基因多样度（$H_s$）、平均每个位点的观察等位基因数（$N_a$）、平均每个位点的有效等位基因数（$N_e$）、遗传分化系数（$G_{ST}$）、Nei's 遗传距离和遗传一致度。按照 Wright（1951）的 $F_{ST}$ 法计算反映基因流强度的居群每代迁移数（$N_m$），其关系为 $F_{ST} = 1/(4+N_m)$，$N_m(W) = (1 - F_{ST})/4F_{ST}$，在此，$F_{ST}$ 可认为等同于 $G_{ST}$（Nei，1987）。运用 DCFA 1.1 (张富民和葛颂，2002) 对 ISSR 表型数据矩阵进行计算，得到表型间的距离系数，得到 WINAMOVA 所需的距离文件（.dis），然后运用 AMOVA 软件（Excoffier，1993）对居群间和居群内的遗传变异进行分子变异分析 (张富民和葛颂，2002)。据 POPGENE 计算得到的 Nei's 遗传距离和遗传一致度，用 UPGMA 方法进行聚类，分析各居群之间的遗传关系。

## 2　结果

### 2.1　ISSR—PCR 扩增结果

从干热河谷地区、版纳居群、海南居群和广西居群各选取 1 个 DNA 样品进行引物筛选，从哥伦比亚大学设计的 96 个引物 (上海生工生物工程有限公司合成) 当中筛选出扩增条带清晰、重复性和稳定性好的引物共 10 条（表 2），用这 10 条引物对所有的个体和 1 个空白对照进行 PCR 扩增及统计分析，部分扩增结果见图 2。所得片段在 100～2 200 bp 之间。

### 2.2　遗传多样性

共检测到 142 个清晰、可重复的有效位点，其中多态位点有 128 个（表 3）。结果表明：在物种水平上，木棉多态位点百分率 *PPB* 为 90.14% (表 3)、观察的等位基因数 $N_a$ 为 1.9014（±0.2992)、有效等位基因数 $N_e$ 为 1.4302（±0.3717)、Nei's 基因多样性指数 *H* 为 0.2530（±0.1874)、

表 2 ISSR 引物序列、退火温度和扩增位点数

Table 2 Primers sequences, annealing temperature and the locus variation within *Bombax malabaricum* populations

| 引物 Primer | 序列 Sequence (5′-3′) | 退火温度 (℃) Annealing temperature | 扩增位点数 No. of amplifying loci |
|---|---|---|---|
| 810 | $(GA)_8T$ | 54 | 8 |
| 811 | $(GA)_8C$ | 56 | 15 |
| 816 | $(CA)_8T$ | 54 | 11 |
| 826 | $(AC)_8C$ | 56 | 17 |
| 827 | $(AC)_8G$ | 56 | 17 |
| 861 | $(ACC)_5$ | 58 | 12 |
| 888 | $BDB(CA)_7$ | 52 | 17 |
| 889 | $DBD(AC)_7$ | 52 | 16 |
| 890 | $VHV(GT)_7$ | 52 | 17 |
| 891 | $HVH(TG)_7$ | 52 | 12 |

D = A, G or T; B = C, G or T; H = A, C or T; V = A, C or G

表 3 木棉各居群的多态位点百分率 (*PPB*)

Table 3 The *PPB* of *Bombax malabaricum* for all populations

| 居群编号 Population code | 多态位点数 No. of polymorphic loci | 多态位点百分率 *PPB* (%) |
|---|---|---|
| 巧家 QJ | 85 | 59.86 |
| 元谋 YM | 76 | 53.52 |
| 元江 YJ | 80 | 56.34 |
| 保山 DJ | 79 | 55.63 |
| 广西 GX | 93 | 65.49 |
| 海南 HN | 75 | 52.82 |
| 版纳 BN | 90 | 63.38 |
| 平均 Mean | 82.57 | 58.15 |
| 物种水平 Species level | 128 | 90.14 |

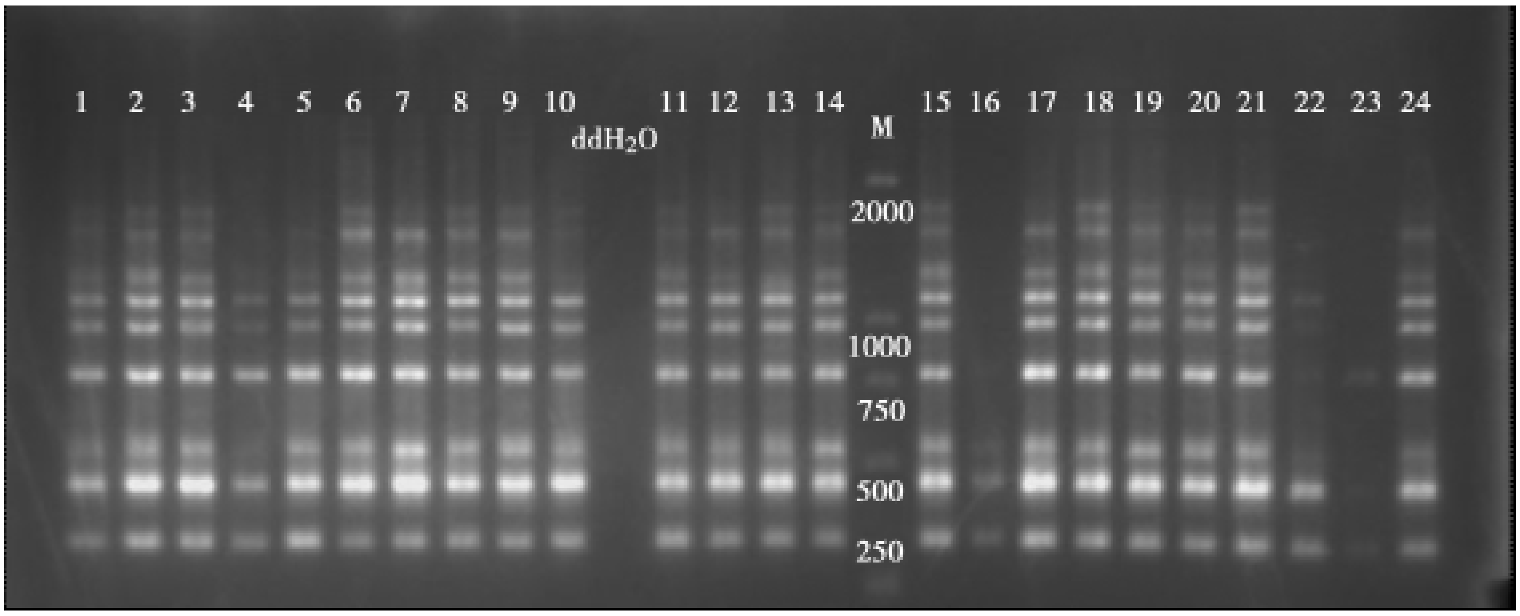


图 2 引物 891 对保山木棉居群扩增的结果

Fig. 2 The amplification products of *Bombax malabaricum* of Baoshan population using primer 891

Shannon′s 信息指数 *I* 为 0.3864 (±0.2516) (表 4); 在居群水平上, 各个居群的多态位点百分率 (*PPB*) 差异不大 (52.82%～65.49%), 平均值为 58.15% (表 3), Nei′s 基因多样性指数 (*H*) 为 0.2058 (±0.2036), 各个居群的 Shannon′s 多样性信息指数平均为 0.3062 (±0.2895) (表 4)。

Nei′s 基因多样性指数、*PPB* 值和 Shannon′s 信息指数均显示: 各居群的遗传变异由高到低依次为广西居群 (GX) > 版纳居群 (BN) > 巧家居群 (QJ) > 元江居群 (YJ) > 保山居群 (DJ) > 元谋居群 (YM) > 海南居群 (HN); 各居群间的遗传多样性差别不大, 其中广西居群 (GX) 的遗传多样性水平最高, 海南居群 (HN) 的遗传多样性水平最低 (表 3, 4)。

## 2.3 遗传分化

7 个自然居群总的基因多样度 $H_t = 0.2531$, 其中居群内的基因多样度 $H_s = 0.2058$, 居群间的遗传分化系数 $G_{ST} = 0.1870$, 表明有 18.70% 的遗传变异存在于居群间, 81.30% 的遗传变异存在于居群内, 居群内的遗传分化大于居群间的遗传分化。

AMOVA 的分析结果也显示木棉的遗传变异主要存在于居群内, 占总变异的 82.34% ($P < 0.001$) (表 5), $\Phi_{st} = 0.177$; 干热河谷地区、干热地区和湿热地区间的遗传分化系数 $\Phi_{ct} = 0.018$, *P* 值 = 0.3836, 可以认为三个地区间没有显著的遗传分化。两种方法分析的结果都表明遗传变异主要存在于居群内。居群间基因流 $N_m$ 为 1.0872。

## 2.4 遗传距离

表 4　木棉居群的遗传多样性

Table 4　The genetic variation within populations of *Bombax malabaricum*

| 居群编号 Population code | 观察的等位基因数 $N_a$ | 有效等位基因数 $N_e$ | Nei's 基因多样性 $H$ | Shannon's 信息指数 $I$ |
|---|---|---|---|---|
| 巧家 QJ | 1.5986±0.4919 | 1.3772±0.3832 | 0.2179±0.2051 | 0.3232±0.2921 |
| 元谋 YM | 1.5352±0.5005 | 1.3271±0.3754 | 0.1898±0.2037 | 0.2824±0.2915 |
| 元江 YJ | 1.5634±0.4977 | 1.3537±0.3907 | 0.2023±0.2078 | 0.2998±0.2949 |
| 保山 DJ | 1.5563±0.4986 | 1.3309±0.3801 | 0.1914±0.2039 | 0.2856±0.2900 |
| 广西 GX | 1.6549±0.4771 | 1.4194±0.3799 | 0.2429±0.2006 | 0.3604±0.2848 |
| 海南 HN | 1.5282±0.5010 | 1.2989±0.3738 | 0.1737±0.1997 | 0.2609±0.2846 |
| 版纳 BN | 1.6338±0.4835 | 1.3857±0.3872 | 0.2223±0.2042 | 0.3311±0.2883 |
| 平均 Mean | 1.5815±0.4929 | 1.3561±0.3815 | 0.2058±0.2036 | 0.3062±0.2895 |
| 物种水平 At species level | 1.9014±0.2992 | 1.4302±0.3717 | 0.2530±0.1874 | 0.3864±0.2516 |

$N_a$, Observed number of alleles; $N_e$, Effective number of alleles; $H$, Nei's (1973) gene diversity; $I$, Shannon's information index .

表 5　木棉居群的 AMOVA 分析

Table 5　Analysis of AMVOVA for *Bombax malabaricum* populations

| 变异来源 Source of variance | 方差总和 SSD | 平均方差 MSD | 变异组分 Variance component | 变异百分率 variation (%) | $P^*$ |
|---|---|---|---|---|---|
| 地区间 Among groups | 1.6847 | 0.842 | 0.003870 | 1.78 | 0.3836 |
| 地区内居群间 Among populations groups | 2.8837 | 0.721 | 0.034554 | 15.88 | < 0.001 |
| 居群内 Within populations | 18.4533 | 0.179 | 0.179158 | 82.34 | < 0.001 |

SSD, Sum of squared deviation; MSD, Mean of squared deviation; * $P$-values, The probabilities of having a more extreme variance component than the observed values alone .

表 6　木棉 7 个居群间 Nei's (1978) 遗传一致度 (对角线上方) 和遗传距离 (对角线下方)

Table 6　Nei's (1978) genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) among *Bombax malabaricum* populations

| | 巧家 QJ | 广西 GX | 海南 HN | 元江 YJ | 保山 DJ | 版纳 BN | 元谋 YM |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 巧家 QJ | **** | 0.9604 | 0.9287 | 0.9445 | 0.9251 | 0.9409 | 0.9440 |
| 广西 GX | 0.0404 | **** | 0.9153 | 0.9554 | 0.9341 | 0.9552 | 0.9420 |
| 海南 HN | 0.0740 | 0.0885 | **** | 0.9126 | 0.8724 | 0.8724 | 0.9041 |
| 元江 YJ | 0.0571 | 0.0457 | 0.0915 | **** | 0.9449 | 0.9414 | 0.9540 |
| 保山 DJ | 0.0779 | 0.0682 | 0.1365 | 0.0567 | **** | 0.9385 | 0.9213 |
| 版纳 BN | 0.0609 | 0.0459 | 0.1365 | 0.0604 | 0.0635 | **** | 0.9437 |
| 元谋 YM | 0.0576 | 0.0597 | 0.1009 | 0.0471 | 0.0820 | 0.0579 | **** |

用 POPGENE 计算出了木棉 7 个居群两两居群间的 Nei's 遗传一致度, 其范围为 0.8724～0.9604; 遗传距离范围为 0.0404～0.1365 (表 6)。据其两两居群间的遗传一致度进行 UPGMA 聚类 (图 3), 位于干热河谷地区的 4 个居群、干热地区的两个居群、湿热地区的一个居群并未分开聚类。干热河谷地区的巧家居群 (QJ) 和干热地区的广西居群 (GX) 遗传一致度最高 (0.9604), 遗传距离 (0.0404) 也最近, 它们与湿热地区的版纳居群位在聚类图中聚在一起。干热河谷地区中, 保山居群 (DJ) 和其它 3 个居群距离相对较远。海南居群 (HN) 和其它居群遗传一致度相对较低, 聚类图中海南居群明显同其他居群分开 (图 3)。

# 3　讨论

## 3.1　遗传多样性

Nybom (2004) 对 307 个遗传多样性研究进行了总结。其中, 显性标记研究得到的多年生植物、广布种、异交种居群水平的 Shannon's 信息指数 I 的平均值分别为 0.25、0.22 和 0.27, 本研究得到的相应的木棉的遗传多样性参数值 (居群内平均遗传多样性 $I = 0.3062 \pm 0.2895$) 远高于以上 3 种生物特性植物的平均值, 表明木棉居群具有较高水平的遗传多样性。Assogbadjo 等 (2006) 对分布于西非的木棉科猴面包树属的猴面包树 (*Adansonia digitata*) 的遗传多样性和形态多样性进行了研究, 得出其多态位点百分率 *PPB* 为

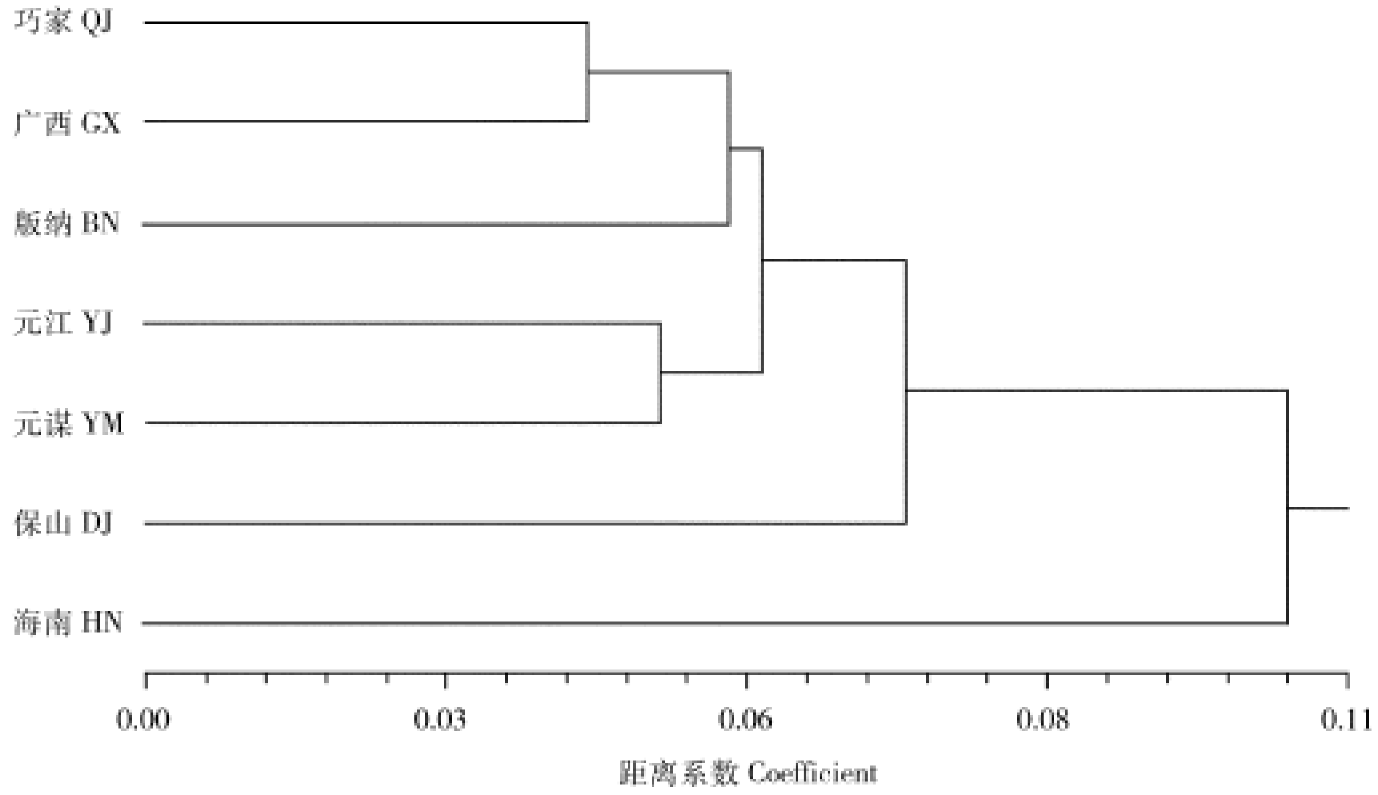


图 3　木棉居群 Nei′s (1978) 遗传距离的 UPGMA 聚类图

Fig. 3　Dendrogram of UPGMA of *Bombax malabaricum* populations based on Nei′s (1978) genetic distance

78.34%，本研究得出木棉的多态位点百分率 *PPB* 为 90.14%，也表明其具有较高水平的遗传多样性。Brondani 等（2003）采用微卫星标记对木棉科的濒危树种 *Ceiba pentandra* 的研究也表明其具有高水平的遗传多样性。Chaturvedi and Pandey（2001）对分布于印度东部的木棉居群进行了研究，通过不同特征胚质的显著分化推断当地木棉具有丰富的遗传变异，本研究结果与其推断一致。

Hamrick and Godt（1990）认为繁育系统是在居群水平上影响遗传多样性的主要因素。Bhattacharya and Mandal（2000）的研究表明，木棉的繁育系统为异交，套袋试验甚至没有发现果实，表明木棉自交的可能性很小。其主要的传粉者是鸟类（八哥、百灵等）和蜜蜂，其繁育特性对其保持较高水平的遗传多样性是很有利的。地理分布范围也是决定植物遗传多样性的主要因素之一。一般认为分布区较广的物种具有更高的遗传多样性水平（Korron，1987；Hamrick and Godt，1990）。木棉的广泛分布从一方面也解释了其应具有较高的遗传多样性。此外，木棉主要靠种子进行繁殖，其果实成熟开裂后，种子便随棉絮由风载着可以传播相当远的距离（Chaturvedi and Pandey，2001），这为远距离基因交流提供了可能性，也是造成其具有较高水平遗传多样性的原因之一。

我们分别对干热河谷地区、干热地区和湿热地区的遗传多样性主要参数进行平均，得出 3 个地区的 PPB、Nei′s 基因多样性指数和 Shannon′s 信息指数 *I* 分别是 56.34%、0.2004±0.2051、0.2978±0.2921；59.16%、0.1893±0.2002、0.3107±0.2847；63.38%、0.2223±0.2042、0.3311±0.2883。比较得出 3 个地区的遗传多样水平差别并不大，这从一个侧面反映了木棉对不同生境的较好的适应性。湿热地区的遗传多样性水平稍微偏高，这可能主要和木棉偏好相对潮湿的热带气候的生活习性相关（Chaturvedi and Pandey，2001）。

### 3.2　遗传分化

Bussell (1999) 对 35 个物种的 RAPD 结果分析表明，27 个异交物种的居群间遗传变异占总的遗传变异的比率范围为 0.9%～41.3%，6 个近交种的范围为 44.8%～66.9%。Hogbin and Peakall (1999) 也总结了 7 个物种的 RAPD 分析结果，发现异交物种居群间的遗传变异分布通常不足 27.1%。本研究采用两种方法对木棉的遗传分化进行分析，Nei′s 基因分化系数 $G_{ST}$ = 0.187，AMOVA 分析的 $\Phi_{st}$ = 0.177，均表明木棉居群间具有较低的遗传分化水平，属于异交物种范畴，证实了 Bhattacharya and Mandal（2000）的结论。比较 Nybom（2004）总结的显性标记研究结果，异交类群平均 $G_{ST}$ = 0.22，$\Phi_{st}$ = 0.27，也

表明木棉居群间具有较低的遗传分化水平。

AMOVA 的计算结果表明，木棉在干热河谷地区、干热地区和湿热地区间遗传分化极不明显，遗传分化系数仅为 $\Phi_{ct}$ = 0.018。在聚类图中，3 个地区的居群并没有分区聚类，而是混合在一起的（图 3）。另外 AMOVA 计算总的干热地区（包括干热河谷和干热地区 6 个居群）和湿热地区的遗传分化系数为 0.017（$P$ = 0.2787），遗传分化也不显著。

影响居群遗传结构最重要的因素是基因交流程度和繁育系统方式（Hamrick and Godt，1990）。本研究计算得出木棉的基因流 $N_m$ = 1.0872。居群遗传学理论认为，不管居群大小，只要基因流是多向性的，当每世代居群间迁移者多于或等于 1 时（$N_m \geq 1$），基因流就可以防止居群间由遗传漂变引起的遗传分化（Wright，1931；Hartl and Clark，1989）。木棉居群间有效的基因流表明，遗传漂变不是木棉居群遗传分化的主要影响因素。木棉的繁育系统为异交，传粉主要靠动物传播（Bhattacharya and Mandal，2000），种子传播是有效的风媒传播方式（Chaturvedi and Pandey，2001），这些生物学特性促进了居群之间基因的频繁交流，从而减小了居群间的遗传分化。

### 3.3　干热河谷引种建议

基于对木棉遗传多样性的探讨，我们认为木棉可以作为干热河谷的优良引种树种，其在干热河谷的引种能够达到生态效益、经济效益和社会效益的有效统一（代正福，1988；李忠超和张小兰，2003）。

参照陈小勇（2000）从居群遗传学角度考虑生态恢复的理论，我们对木棉在干热河谷的引种有以下建议：(1) 木棉的遗传多样性主要存在于居群内，对其引种需要对各居群进行大量采样(尽可能的覆盖整个居群)，以保持其较高的居群内遗传多样性；(2) 居群间存在一定的遗传分化，因此引种也要尽量对不同的居群进行采样，以尽可能的保持其物种水平较高的遗传多样性。

本研究旨在为木棉在干热河谷地区的引种提供遗传多样性方面的信息，其成功引种也会受其它内外因素的影响；有效发挥木棉在干热河谷地区生态系统恢复中的作用，制定有效的引种措施，仍需其它方面的深入探讨。

**致谢**　本研究的野外考察与样品采集，得到了陶国达老师的大力支持；此外，在实验过程中得到了慈秀芹、陈俊秋、钟晋顺、赵建立、郑丽、田婕等同学的积极帮助；论文的绘图工作得到了李增加同学和杨礼攀博士的热心协助。

## 〔参　考　文　献〕

冯国楣，1984．木棉科［A］．见：中国科学院中国植物志编辑委员会，中国植物志［M］．北京：科学出版社，**49** (2)：106—108

许再富，邹祜梅，刘宏茂，1991．西南热区资源与经济作物开发研究［M］．北京：中国科学技术出版社

金振洲，2002．滇川干热河谷与干暖河谷植物区系特征［M］．昆明：云南科技出版社，7

葛颂，2001．DNA 分子标记在保护生物学研究中的应用［A］．见：邹喻苹，葛颂，王晓东主编，系统与进化植物学中的分子标记［M］．北京：科学出版社，140—149

Assogbadjo AE，Kyndt T，Sinsin B *et al*．2006．Patterns of genetic and morphometric diversity in Baobab (*Adansonia digitata*) populations across different climatic zones of Benin (west Africa)［J］．*Ann Bot*，**97**：819—830

Bhattacharya A，Mandal S，2000．Pollination biology in *Bombax ceiba* Linn［J］．*Current Sci*，**79** (12)：1706—1712

Brondani RPV，Gaiotto FA，Missiaggia AA *et al*．2003．Microsatellite markers for *Ceiba pentandra* (Bombacaceae)，an endangered tree species of the Amazon forest［J］．*Molecular Ecology Notes*，**3**：177—179

Bussell JD，1999．The distribution of random amplified polymorphic DNA (RAPD) diversity amongst populations of *Isotoma petraea* (Lobeiaceae)［J］．*Molecular Ecology*，**8**：775—789

Chaturvedi OP，Pandey N，2001．Genetic Divergence in *Bombax ceiba* L．Germplasms［J］．*Silvae Genetica*，**50** (3-4)：99—102

Chen XY (陈小勇)，2000．Population genetics considerations for ecological restoration［J］．*Resources and Environment in the Yangtze Basin* (长江流域资源与环境)，**9** (3)：313—319

Dai ZF (代正福)，1988．*Bombax ceiba*［J］．*Forest By-Product and Speciality in China* (中国林副特产)，**9**：42—43

Excoffier L，1993．Analysis of Molecular Variance (AMOVA) Version 1.55［M］．Switzerland：Genetics and Biometry Laboratory，University of Geneva

Hamrick JL，Godt MJW，1990．Allozyme diversity in plant species［A］．In：Brown AHD，Clegg MT，Kahler AL，Weir BS (eds)，Plant Population Genetics，Breeding and Genetic Resources［M］．Sinauer，Sunderland，Massachusetts，43—63

Hartl DL，Clark AG，1989．Principle of Population Genetics［M］．2nd edn．Sinauer，Sunderland，Massachusetts

Hogbin PM，Peakall R，1999．Evaluation of the contribution of genetic research to the management of the endangered plant *Zieria prostrate*［J］．*Conservation Biology*，**13**：514—522

Korron JD, 1987 . A comparison of levels of genetic polymor-phism and self-compatibility in geographically restricted and widespread plant congeners [J] . *Ecology*, **1**: 47—58

Li Q (李虬), Chen HM (陈惠明), 1996 . Plant Introduction and breeding of Bombacaceae [J] . *Guangdong Garden* (广东园林), **4**: 10—13

Li QM (李巧明), Zhao JL (赵建立), 2007 . Population genetic diversity of *Phyllanthus emblica* in dry-hot valleys in Yunnan [J] . *Biodiversity Science* (生物多样性), **15** (1): 84—91

Li ZC (李忠超), Zhang XL (张小兰), 2003 . The hero tree in southland [J] . *Plants* (植物杂志), **5** (13): 14

Nagaoka T, Ogihara Y, 1997 . Applicability of inter-simple sequence repeat polymorphisms in wheat for use as DNA markers in comparison to RFLP and RAPD markers [J] . *Theoretical and Applied Genetics*, **93**: 133—139

Nei M, 1973 . Analysis of gene frequencies in subdivided populations [J] . *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, **70**: 3321—3323

Nei M, 1978 . Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J] . *Genetics*, **89**: 583—590

Nei M, 1987 . Molecular Evolutionary Genetics [M] . New York: Columbia University Press

Nybom HD, 2004 . Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants [J] . *Molecular Ecology*, **13**: 1143—1155

Ou XK (欧晓昆), 1994 . Resource plants and their development ways in Jinsha river Dry-hot valley [J] . *J Yunnan Univ* (Nat Sci Ed) (云南大学学报自然科学版), **16** (3): 262—270

Qi YP (齐一萍), Cao JH (曹剑虹), Deng FS (邓福寿) *et al* . 1993 . A study on chemistry component of *Bombax ceiba* [J] . *Chin Med J* (中国药物杂志), **18** (12): 740—741

Qi YP (齐一萍), Guo SM (郭舜民), 2002 . A study on chemistry component and pharmacological Actions of *Bombax ceiba* [J] . *Fujian Med J* (福建医药杂志), **24** (3): 119—120

Solbrig OT, 1991 . From Genes to Ecosystems—A Research Agenda for Biodiversity [M] . Paris: IUBS

Wright S, 1931 . Evolution in Mendelian population [J] . *Gentics*, **16**: 97—159

Wright S, 1951 . The genetical structure of populations [J] . *Annals of Eugenics*, **15**: 323—354

Yang SD (杨淑达), Shi SH (施淑华), Gong X (龚洵) *et al* . 2005 . Genetic diversity of *Paeonia delavayi* as revealed by ISSRs [J] . *Biodiversity Science* (生物多样性), **13**: 105—111

Yeh EC, Yang RC, Boyle TBJ *et al* . 1997 . POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis [M] . Edmonton, Alberta, Canada: Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta

Zhang FM (张富民), Ge S (葛颂), 2002 . Data analysis in population genetics . Ⅰ . Analysis of RAPD data with AMOVA [J] . *Biodiversity Sci* (生物多样性), **10**: 438—444

* * * * * * * * * * * * * * *

# 《中国药学大辞典》(2008年版) 征订启事

《中国药学大辞典》收集词汇近26000条，涉及药用动物植物矿物、中药和方剂、药用化学物质、化学药物、药剂学、药剂学、药物化学、中药学和生药学、微生物药学、生物药学、药物分析、药理学和毒理学、医院药学、临床药学、药学史、药事管理、信息科学、药学相关学科和专业、技术和设备、教育学名词等方面内容。定价352元。

单位名称：国家食品药品监督管理局信息中心期刊处
开户名称：国家食品药品监督管理局信息中心
开户银行：建设银行北京展览路支行　　账号：11001016700056002517
通讯地址：北京市西城区北礼士路甲38号　　邮编：100810
电话：010-62214715、62214665、88330061　　传真：010-62214866　　E-mail：zgyxwz@163.com